



СИЛАБУС НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ «Геноміка та протеоміка»

Освітній вищий ступінь: доктор філософії
Спеціальність: 091 «Біологія та біохімія»
Освітньо-наукова програма: «Біотехнології біологічних систем»
Рік навчання 2024-2025, семестр 3
Форма навчання денна
Кількість кредитів ЄКТС 5
Мова викладання українська

Лектор курсу
Контактна інформація
лектора (e-mail)
URL ЕНК на навчальному
порталі НУБіП України

к.б.н., доцент Кваско Олена Юріївна
Тел. (044) 527-85-17
kvasko_o@nubip.edu.ua

ОПИС НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ (до 1000 друкованих знаків)

Дисципліна «Геноміка та протеоміка» є вибірковою для ОС доктор філософії за освітньо-науковою програмою «Біотехнології біологічних систем». Дисципліна передбачає вивчення особливостей організації та еволюції геномів прокаріотичних та еукаріотичних організмів, структурно-функціональної організації хромосом, закономірності молекулярної еволюції мультигенних родин та повторюваних послідовностей. Значна увага приділяється методам розшифрування та аналізу геномів, молекулярному клонуванню та біоінформатичним методам дослідження геномів та протеомів.

Метою викладання навчальної дисципліни «Геноміка та протеоміка» є поглиблене вивчення молекулярної організації геномів, механізмів їх перебудов, основних групи унікальних та повторюваних послідовностей, методів секвенування геномів, аналізу протеомів, біоінформатичних методів аналізу геномів та протеомів про- та еукаріотичних організмів.

Вивчення дисципліни «Геноміка та протеоміка» забезпечує опанування таких загальних компетентностей, як знання та розуміння предметної області, здатність до пошуку, оброблення та комплексного аналізу інформації з різних джерел, здатність застосовувати знання в практичних ситуаціях, здатність генерувати нові ідеї та проводити наукові дослідження на відповідному рівні.

Вивчення дисципліни «Геноміка та протеоміка» забезпечує опанування таких фахових компетентностей, як здатність виявляти, формулювати та вирішувати проблеми дослідницького характеру в галузі біотехнології, сформулювати системний науковий світогляд та загальнокультурний кругозір, здатність оцінювати ризики впровадження сучасних біотехнологій для природного навколишнього середовища, здоров'я людей, її відповідність національним і міжнародним стандартам та практикам, здатність демонструвати знання і розуміння наукових фактів, необхідних для розроблення сучасних біотехнологій.

Набуття компетентностей:

Інтегральна компетентність (ІК): Здатність розв'язувати комплексні завдання в галузі біології у процесі проведення дослідницько-інноваційної діяльності, що передбачає переосмислення наявних та створення нових цілісних знань, оволодіння методологією наукової та науковопедагогічної діяльності, проведення самостійного наукового дослідження, результати якого мають наукову новизну, теоретичне та практичне значення і інтегруються у світовий науковий простір через публікації.

Спеціальні (фахові) компетентності (ФК):

СК09. Здатність критично оцінювати отримані результати, приймати рішення та рекомендувати альтернативні стратегії вирішення проблем щодо створення та регулювання життєдіяльністю біологічних об'єктів, методів досліджень та технологій за їх участю.

СК10. Здатність оцінювати ризики впровадження сучасних біотехнологій для

природнього навколишнього середовища, здоров'я людей, її відповідність національним і міжнародним стандартам та практикам.

СК11. Здатність розробляти нові та вдосконалювати існуючі біотехнології на основі розуміння наукових сучасних фактів, концепцій, теорій, принципів і методів біотехнології.

Програмні результати навчання (ПРН) ОП:

РН09. Знання і розуміння проблемних питань сучасної біотехнології (в тому числі і на межі предметних галузей) для створення новітніх біотехнологій.

РН10. Знання та використання сучасних фізіологічних, біохімічних та генетичних підходів для вдосконалення біологічних агентів і регуляції біотехнологічних процесів.

РН11. Мати передові концептуальні та методологічні знання з біотехнології і на межі предметних галузей, а також дослідницькі навички, достатні для проведення наукових і прикладних досліджень на рівні останніх світових досягнень з відповідного напрямку, отримання нових знань та/або здійснення інновацій.

СТРУКТУРА НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ

Тема	Години (лекції/ практичні роботи)	Результати навчання	Завдання	Оцінювання
3 семестр				
Змістовний модуль 1. Геноміка та протеоміка				
Тема 1. Поняття геноміки та протеоміки. Характеристик а генів і геномів .	2/2	<i>Знати:</i> цілі й завдання геноміки та протеоміки як науки, характеристики генів та геномів, будову генів та основні компоненти геномів та протеомів про- та еукаріот. <i>Вміти:</i> давати характеристику основним структурним компонентам геномів та протеомів про- та еукаріот. <i>Використовувати:</i> методи аналізу структурних компонентів генів, геномів та протеомів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 2. Особливості організації генів прокариот та еукаріот.	2/2	<i>Знати:</i> принципи структурно-функціональної організації геномів еукаріотичних	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також

<p>Структурно-функціональна організація хромосом.</p>		<p>організмів; <i>Вміти:</i> використовувати набуті знання для опису особливостей структурної організації та еволюції еукаріотичних геномів та окремих груп полінуклеотидних послідовностей. <i>Використовувати:</i></p>	<p>повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p>Тема 3. Бази даних нуклеотидних послідовностей. Формати зберігання молекулярної та біоінформаційної інформації.</p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> основні бази нуклеотидних послідовностей, їх структуру та принцип роботи з ними, формати зберігання молекулярної та біоінформаційної інформації. <i>Вміти:</i> аналізувати нуклеотидні послідовності, здійснювати пошук відповідних нуклеотидних послідовностей у біоінформаційних базах даних. <i>Використовувати:</i> сучасні біоінформаційні бази даних для пошуку та аналізу нуклеотидних послідовностей.</p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn. Підготовка та написання модульної контрольної роботи (описова частина у формі письмової/усної відповіді – на аудиторних заняттях, тестова - на eLearn)</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p>Тема 4. Структура web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB. Гомологія, консервативність, схожість і ідентичність послідовностей</p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> структуру web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB, поняття гомології, консервативності, схожості, ідентичності послідовностей та елементів</p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового</p>

<p>та елементів просторової організації білків.</p>		<p>просторової організації білків. <i>Вміти:</i> аналізувати послідовності та елементи просторової організації білків за допомогою web-ресурсів NCBI, UniProt, PIR та WWPDB <i>Використовувати:</i> web-ресурси NCBI, UniProt, PIR та WWPDB для аналізу послідовностей та елементів просторової організації білків.</p>	<p>роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>го опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p>Тема 5. Філогенетика, філогенія та кладистичний аналіз.</p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> методи та алгоритми побудови філогенетичних дерев, види філогенетичних дерев. <i>Вміти:</i> будувати філогенетичні дерева, інтерпретувати результати філогенетичного аналізу. <i>Використовувати:</i> сучасне програмне забезпечення для побудови та аналізу філогенетичних дерев.</p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>
<p>Тема 6. Еволюція геномів.</p>	<p>2/2</p>	<p><i>Знати:</i> механізми еволюції геномів та їх компонентів; явище нестабільності геному, організацію та функціонування транспозонів. <i>Вміти:</i> аналізувати еволюційні зміни геномів різних груп живих організмів. <i>Використовувати:</i> сучасне програмне забезпечення для</p>	<p>Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn.</p>	<p>Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn</p>

		аналізу еволюційних змін геномів різних груп живих організмів.	Ознайомитися з характеристикою пептидного зв'язку. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	
Тема 7. Структурна геноміка . Хромосомні карти.	2/2	<i>Знати:</i> особливості фізичного картування хромосом, визначення локусу на хромосомах, принципи використання геномних карт в генетичному аналізі. <i>Вміти:</i> будувати фізичні карти хромосом. <i>Використовувати:</i> сучасні технології для побудови фізичних карт хромосом та їх візуалізації.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 8. Секвенування геномів та протеомів. Молекулярні бази даних секвенованих послідовностей та їх біоінформатичний аналіз.	2/2	<i>Знати:</i> технології секвенування та аналізу геномів та протеомів, їх переваги та недоліки. <i>Вміти:</i> проводити аналіз даних розшифрування послідовностей геномів; <i>Використовувати:</i> молекулярні бази даних секвенованих послідовностей ДНК та амінокислот.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 9. Технології рекомбінантних ДНК, їх застосування	2/2	<i>Знати:</i> сучасні технології рекомбінантних ДНК, наявні інструменти редагування геномів. <i>Вміти:</i> підбирати умови проведення і	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та

		компоненти реакцій для створення рекомбінантних ДНК та внесення змін у послідовність ДНК. <i>Використовувати:</i> програмне забезпечення для створення моделей та схем молекул рекомбінантних ДНК; сучасні методи створення рекомбінантних ДНК.	здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 10. Функціональна геноміка. Взаємодії генів, їх аналіз.	2/2	<i>Знати:</i> поняття функціональної геноміки, типи взаємодії генів, способи їх аналізу. <i>Вміти:</i> аналізувати типи взаємодії генів, прогнозувати результат їх взаємодії. <i>Використовувати:</i> сучасні методи аналізу взаємодії генів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 11. Експресія генів, її регуляція та методи дослідження.	2/2	<i>Знати:</i> механізм експресії генів, її регуляції, принципи та практичне застосування методів дослідження рівня експресії генів. <i>Вміти:</i> пояснювати основні регуляторні шляхи експресії генів, прогнозувати можливі способи впливу на рівень експресії генів. <i>Використовувати:</i> сучасні молекулярно-	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn

		біологічні методи для дослідження рівня експресії генів (метод генних мікроматриць (генні чіпи), РНК секвенування (RNA-seq) тощо).		
Тема 12. Молекулярна еволюція білків, та їх класифікація.	2/2	<i>Знати:</i> молекулярні механізми еволюції білків, класифікацію білків за швидкістю еволюції. <i>Вміти:</i> застосовувати комп'ютерну програму MEGA5 для дослідження амінокислотних послідовностей та еволюційних зв'язків між ними. <i>Використовувати:</i> сучасні комп'ютерні програми для дослідження еволюції білків	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 13. Швидкість еволюції білків. Еволюційні дистанції.	2/2	<i>Знати:</i> поняття швидкості еволюції, поняття про еволюційну дистанцію. <i>Вміти:</i> обраховувати величину еволюційної дистанції різними методами. <i>Використовувати:</i> сучасні методи обрахунку еволюційної дистанції.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 14. Методи дослідження білкових молекул	2/2	<i>Знати:</i> принцип та практичне застосування методів дослідження	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також

		білкових молекул: двомірний гель-електрофорез, вестерн-блот аналіз тощо <i>Вміти:</i> інтерпретувати результати дослідження білкових молекул різними методами. <i>Використовувати:</i> сучасні молекулярно-біологічні методи дослідження білкових молекул.	повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Тема 15. Системи для редагування геномів	2/2	<i>Знати:</i> особливості, переваги та недоліки систем для редагування (мегануклеази, Zn-finger nucleases, TALENs, CRISPR/Cas9) <i>Вміти:</i> давати оцінку системам редагування геному згідно мети дослідження <i>Використовувати:</i> сучасні електронні ресурси для моделювання систем редагування геномів.	Підготуватися до лекцій (попереднє ознайомлення з презентацією та повнотекстовою лекцією на eLearn). Виконати та здати практичну роботу упродовж практичного заняття та самостійно на eLearn. Виконати самостійну роботу завдання на eLearn	Виконання та здача практичних і самостійних робіт, а також Модульного контролю у вигляді тестів (на eLearn) та усного/письмового опитування – згідно з журналом оцінювання в eLearn
Можливість отримання додаткових балів:	Додаткові бали можна отримати за підготовку доповіді та участь в студентській конференції		до 10 балів	
Всього за семестр			100x0,7 (максимум 70 балів)	
Іспит			30 балів	
Всього разом			100 балів	

ПОЛІТИКА ОЦІНЮВАННЯ

Політика щодо дедлайнів та перескладання:	Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання модулів відбувається із дозволу лектора за наявності поважних причин (наприклад, лікарняний).
Політика щодо академічної доброчесності:	Списування під час контрольних робіт та екзаменів заборонені (в т.ч. із використанням мобільних девайсів). Самостійні роботи, реферати повинні мати коректні текстові посилання на використану літературу та/або електронні джерела.

Політика щодо відвідування:	Відвідування занять є обов'язковим. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, міжнародне стажування) навчання може відбуватись індивідуально (в онлайн формі за погодженням із деканом факультету).
------------------------------------	--

ШКАЛА ОЦІНЮВАННЯ ЗДОБУВАЧІВ

Рейтинг здобувача вищої освіти, бали	Оцінка національна за результати складання екзамену
90-100	відмінно
74-89	добре
60-73	задовільно
0-59	незадовільно

Рекомендовані джерела інформації

Основна література:

- Сиволоб А. В. Молекулярна біологія: підручник / А. В. Сиволоб. – К.: Видавничо-поліграфічний центр «Київський університет», 2008. – 384с.
- Сивлоб А. В. Генетика: підручник / А. В. Сиволоб, С. Р. Рушковський, С. С. Кір'яченко та ін; за ред. А. В. Сиволоба. – К.: Видавничо-поліграфічний центр «Київський університет», 2008. – 320с.
- Столяр О. Молекулярна біологія. – К.: КМТ, 2015. – 226 с.
- Кунах В.А. Мобільні генетичні елементи і пластичність геному рослин. – К: Логос, 2013. – 288 с.
- Modern Genetic Analysis / Antony J.F. Griffiths, William M. Gelbart, Jeffrey H. Miller, Richard C. Lewontin, W.H. Freeman and Company. 2000. -p. 675.
- IWGS- International wheat Genome Sequencing Consortium. A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome //Science. – 345 (6194), 1251788. [https://doi.org/10.1126/science.1251788/](https://doi.org/10.1126/science.1251788)
- CRISPR protocols and methods. Springer nature experiments. https://experiments.springernature.com/techniques/crispr?gclid=Cj0KCQjwv7L6BRDxARIsAGj-34o2y9MT4Qio62yCncWx0vXMS6852Isp9ROtH4LowwMqr3qSP-wvkcwaAgIIEALw_wcB
- Горобець С. В. Біоінформатика. Практикум [Електронний ресурс]: навч. посіб. для студ. спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / С. В. Горобець, О. Ю. Горобець, І.В. Дем'яненко; КПІ ім. Ігоря Сікорського. – Електронні текстові дані (1 файл 5.49 Мбайт). – Київ: КПІ ім. Ігоря Сікорського, 2020. – 86с. <https://ela.kpi.ua/handle/123456789/38813>
- Основи біоінформатики. Бази даних молекулярної біології. Практикум / Укладачі: Горобець С.В., Горобець О.Ю., Лень Т.С. – К.:ВПК «Політехніка», 2009. – 68 с.
- Chen, Yu Wai, Bennu Yiu, Chin-Pang (Eds.). Structural Genomics. Springer Science+Business Media, LLC, part of Springer Nature, 2021.
- Yu Wai Chen (Editor). Structural Genomics: General Applications (Methods in Molecular Biology, 1091) 2014th Edition. Humana; 2014th edition (November 9, 2013).
- Michael Sundstrom, Martin Norin, Aled Edwards. Structural Genomics and High Throughput Structural Biology. 2019 by CRC Press.
- Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition, Kindle Edition. Wiley-Blackwell; 3rd edition (August 17, 2015)
- Kaufmann, Michael, Klinger, Claudia, Savelsbergh, Andreas (Eds.) Functional Genomics. Springer Science+Business Media LLC, 2017.

Додаткова література

- Бальвінська М. С., Волкова Н. Е., Колесник О. О., Солоденко А. Є., Чеботар С. В. Диференціація, ідентифікація, визначення типовості та гібридності сільськогосподарських культур за ДНК-профілювання / Методичні рекомендації – Одеса: «Астропринт». – 2015. – 39 с.

2. Applications of genetic and genomic research in cereals/ Ed. T. Miedaner & V. Korzun// Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition .– Elsevier – 2018. – P 1-349.
3. Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., de los Campos, G., Varshney, R. K. Genomic Selection in Plant Breeding: Methods, Models, and Perspectives // Trends in Plant Science. – 2017. – 22 (11). – P. 961–975. doi:10.1016/j.tplants.2017.08.011
4. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. 3rd edition. Wiley Blackwell, London. – 2015-1116 p. ISBN 978-1-118-58178-0.
5. Rothberg JM, Leamon JH. The development and impact of 454 sequencing. Nat Biotechnol. 2008 Oct;26(10):1117-24. doi: 10.1038/nbt1485.
6. Koonin EV. Darwinian evolution in the light of genomics. Nucleic Acids Res. 2009 Mar;37(4):1011-34. doi: 10.1093/nar/gkp089.

Інформаційні ресурси

1. UniGene <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=unigene>
2. RefSeq (LocusLink) - Reference Sequence standards database: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/RefSeq/>
3. SWISS-PROT - the protein sequence data bank: <http://www.ebi.ac.uk/swissprot/http://www.expasy.ch/sprot/>
4. PROSITE - PROtein SITEs and patterns dictionary: <http://www.expasy.ch/prosite/>
5. PRIDE– Proteomics Identifications Database: <http://www.ebi.ac.uk/pride/archive/>
6. <http://www.timetree.org/>
7. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
8. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>
9. <https://www.ebi.ac.uk/>
10. <https://www.uniprot.org/>
11. <http://www.megasoftware.net>
12. <http://www.Promega.com>